



Figure 1

1 ATGACTGACTACATTCCAACCTTTAGATTTCGATGGCCACTTAAC-
CATTGTACAGGTGCC
1 M T D Y I P T F R F D G H L T I V T G A

61 TGTGGTGGTTTAGCTGAAGCTTTAATCAAGGGTTTGTGTCCTACG-
GTTCTGACATTGCT
21 C G G L A E A L I K G L L A Y G S D I A

121 TTGCTTGATATCGACCAAGAAAAGACTGCTGCCAAACAAGCCGA-
ATACCACAAATACGCT
41 L L D I D Q E K T A A K Q A E Y H K Y A

181 ACTGAAGAATTGAAGTTGAAAGAAGTTCCAAAGATGGGTT-
CATATGCCTGTGATATTTCT
61 T E E L K L K E V P K M G S Y A C D I S

241 GATTCTGATACCGTTCACAAGGTGTTTGCTCAAGTTGCTAAGGATT-
TTGGTAAGTTGCCA
81 D S D T V H K V F A Q V A K D F G K L P

301 TTGCACTTGGTTAACACAGCTGGTTACTGTGAAAACCTCCCATGT-
GAAGATTACCCAGCC
101 L H L V N T A G Y C E N F P C E D Y P A

361 AAGAACGCTGAGAAGATGGTGAAGGTAACTTGTTGGGTTCTTTG-
TATGTTTCTCAAGCC
121 K N A E K M V K V N L L G S L Y V S Q A

421
TTTGCTAAGCCATTGATCAAAGAAGGTATCAAGGGTGCTTCTGTTGTTTTG
ATTGGTTCT
141 F A K P L I K E G I K G A S V V L I G S

481
ATGTCTGGTGCCATTGTCAACGATCCTCAAAACCAAGTTGTCTACAACATG
TCCAAGGCT
161 M S G A I V N D P Q N Q V V Y N M S K A

541
GGTGTTATCCATTTGGCTAAGACTTTGGCTTGTGAATGGGCTAAGTACAAC
ATCAGAGTT
181 G V I H L A K T L A C E W A K Y N I R V

(Figure 2 cont'd)

601
AATTCTTTAAACCCAGGTTACATCTACGGTCCTTTGACCAAGAATGTTATC
AATGGTAAC
201 N S L N P G Y I Y G P L T K N V I N G N

661
GAAGAATTGTACAACAGATGGATCTCTGGTATCCCACAACAAAGAATGTC
CGAACCAAAG
221 E E L Y N R W I S G I P Q Q R M S E P K

721 GAATACATTGGTGCTGTTTTGTACTTGCTTTCTGAATCTGCTGCTT-
CATACTACTGGT
241 E Y I G A V L Y L L S E S A A S Y T T G

781 GCCAGCTTACTGGTTGATGGTGGTTTCACTTCTTGG
261 A S L L V D G G F T S W

Figure 2